

15 DE MARÇO DE 2021 POR MICROBIOLOGANDO

A variante P.1 toma de assalto o Rio Grande do Sul. Entenda por que é ainda mais necessário reforçar as medidas restritivas.

Prof. Dr. Tiago Degani Veit (ICBS-UFRGS)

Como deve ser do conhecimento de todos, estamos vivendo um crescimento exponencial de casos de COVID-19 em vários estados do Brasil, acompanhado pelo aumento significativo do número de mortes, que frequentemente têm passado da casa de 2 mil em nível nacional. Esse crescimento está associado em grande parte às aglomerações lamentavelmente observadas durante o carnaval. A isso, soma-se o surgimento e a circulação de novas variantes do vírus com maior potencial de infectividade. O post dessa semana traz um estudo publicado no dia 12 de março, conduzido por pesquisadores da Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS) e do Hospital de Clínicas de Porto Alegre (HCPA) que investigou qual a prevalência da variante P.1 do vírus, primeiramente identificada em Manaus e que foi associada com o rápido crescimento da hospitalização na região norte do Brasil desde dezembro de 2020 (veja o estudo completo [aqui](#)).

Os pesquisadores selecionaram 27 pacientes hospitalizados no HCPA em fevereiro de 2021 para sequenciar o genoma do vírus. Esses pacientes foram comparados com 15 pacientes hospitalizados em janeiro. O sequenciamento do genoma completo do vírus desses pacientes revelou que a linhagem P.1 estava presente em nada menos do que 24 das 27 amostras coletadas (88,9%). Esse dado contrasta fortemente com os dados do mês anterior, em que apenas um dos 15 pacientes sequenciados apresentava a variante (6,7%). Ou seja, em questão de apenas um mês a variante P.1 parece ter se tornado a variante predominante entre os pacientes hospitalizados.

O que essa variante P.1 tem de especial? Explico: a variante P.1 é, assim como outras

variantes circulantes do vírus, um produto da mutação do vírus com o tempo, à medida em que ela vai passando de uma pessoa a outra. A replicação do vírus é sujeita à inserção de pequenos erros na sua sequência genética, ao acaso. Esses erros acabam repercutindo na sequência e na forma das proteínas que são codificadas pelo genoma viral. A proteína S, responsável pela entrada do vírus nas células, é uma proteína crítica, pois o acúmulo de mutações pode levar o vírus a ter uma maior facilidade para entrar nas células e/ou a escapar da ação dos anticorpos. No presente estudo, a variante P.1 esteve associada às maiores cargas virais observadas ao longo de um período de 12 meses, medidas por RT-PCR, o que pode estar relacionado a uma maior afinidade da proteína S ao seu receptor de entrada na célula, a ECA2. Outro grupo de pesquisadores brasileiros já havia mostrado que a linhagem P.1 é capaz de escapar da ação dos anticorpos gerados em pacientes que foram infectados pelas variantes virais que circulavam anteriormente ([link](#)).

Em resumo, em questão de apenas um mês, a variante P.1, detectada primeiramente em Manaus e vista pela primeira vez no Rio Grande do Sul em 1º de fevereiro, tornou-se altamente prevalente em pacientes hospitalizados. Trata-se de uma variante altamente transmissível e com escape imunológico. Em outras palavras, ter pegado COVID-19 em 2020 pode representar pouca ou nenhuma proteção em relação a essa nova variante. Mais do que nunca, em face da lotação dos hospitais e da alta virulência dessa e de outras novas variantes, é necessário redobrar as medidas de contingência contra a infecção, como o uso de máscaras (preferencialmente as de uso hospitalar, padrão pff2 ou N95), distanciamento social e higienização das mãos.